



B 19

①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ Off nlegungsschrift
⑩ DE 199 59 328 A 1

⑨ Int. Cl. 7:
C 12 N 15/77
C 12 N 15/31
C 12 P 13/04
C 12 P 13/08

⑳ Aktenzeichen: 199 59 328.0
㉔ Anmeldetag: 9. 12. 1999
㉕ Offenlegungstag: 13. 6. 2001

DE 199 59 328 A 1

㉑ Anmelder:
Degussa-Hüls AG, 60311 Frankfurt, DE

㉒ Erfinder:
Möckel, Bettina, Dr., 40597 Düsseldorf, DE;
Pfefferle, Walter, Dr., 33790 Halle, DE; Marx, Achim,
Dr., 33613 Bielefeld, DE; Kalinowski, Jörn, Dr.,
33615 Bielefeld, DE; Bathe, Brigitte, Dr., 33154
Salzkotten, DE; Pühler, Alfred, Prof., 33739
Bielefeld, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤4 Neue für das *zwa1*-Gen codierende Nukleotidsequenzen

⑤7 Die Erfindung betrifft ein isoliertes Polynukleotid, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID NO 2 enthält,
 - b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID NO 2,
 - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) und b) und
 - d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),
- und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäure unter Verstärkung des *zwa1*-Gens, in den eingesetzten coryneformen Bakterien.

DE 199 59 328 A 1

Beschreibung

Gegenstand der Erfindung sind die für das *zwf1*-Gen kodierenden Nukleotidsequenzen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen das *zwf1*-Gen verstärkt wird.

Stand der Technik

Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, insbesondere aber in der Tierernährung Anwendung.

Es ist bekannt, daß Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformierender Bakterien, insbesondere *Corynebacterium glutamicum*, hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellungsverfahren gearbeitet. Verbesserungsbemühungen können fermentations-technische Maßnahmen wie z. B. Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie z. B. die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch z. B. Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite wie z. B. das Lysin-Analogon S-(2-Aminoethyl)-Cystein oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und L-Aminosäuren produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung Aminosäure-produzierender Stämme von *Corynebacterium* eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht. Übersichtsartikel hierzu findet man unter anderem bei Kinoshita ("Glutamic Acid Bacteria", in: *Biology of Industrial Microorganisms*, Demain and Solomon (Eds.), Benjamin Cummings, London, UK, 1985, 115-142), Hilliger (*BioTec* 2, 40-44 (1991)), Eggeling (*Amino Acids* 6: 261-272 (1994)), Jetten und Sinskey (*Critical Reviews in Biotechnology* 15, 73-103 (1995)) und Sahm et al. (*Annals of the New York Academy of Science* 782, 25-39 (1996)).

Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, finden in der Humanmedizin, in der pharmazeutischen Industrie und insbesondere in der Tierernährung Anwendung. Es besteht daher ein allgemeines Interesse daran, neue verbesserte Verfahren zur Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, bereitzustellen.

Wenn im folgenden L-Lysin oder Lysin erwähnt werden, sind damit nicht nur die Base, sondern auch die Salze wie z. B. Lysin-Monohydrochlorid oder Lysin-Sulfat gemeint.

Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- a) Polynukleotid, das zu mindestens 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID NO 2 enthält,
- b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID NO 2,
- c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c).

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls ein Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei es sich bevorzugt um eine replizierbare DNA handelt, enthaltend:

- (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID NO 1, oder
- (ii) mindestens eine Sequenz, die den Sequenzen (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder
- (iii) mindestens eine Sequenz, die mit zu den Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen hybridisiert, und gegebenenfalls
- (iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).

Weitere Gegenstände sind

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleotidsequenzen wie in SEQ ID NO 1 dargestellt, wobei das Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist,

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 2, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID NO 2 dargestellt, enthält,

einen Vektor, enthaltend die für das *zwf1*-Gen codierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum*, enthalten in dem Vektor (Plasmid) pCR2.1_{zwf1}exp., hinterlegt in *E. coli* Top10F unter der Nummer DSM 13115

und als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, die den Vektor gemäß Anspruch 6 enthalten oder in denen das *zwf1*-Gen verstärkt wird.

Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank, die das vollständige Gen mit der Polynukleotidsequenz entsprechend SEQ ID NO 1 oder Teile davon enthält mit einer Sonde, die die Sequenz des genannten Polynukleotids gemäß SEQ ID NO 1 oder ein Fragment davon enthält und Isolierung der genannten DNA-Sequenz.

Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind als Hybridisierungs-Sonden für RNA, cDNA und DNA geeignet, um cDNA in voller Länge zu isolieren, die für das *zwf1*-Genprodukt codieren und um solche cDNA oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit der Sequenz mit der des *zwf1*-Gens aufweisen.

Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind weiterhin als Primer geeignet, mit deren Hilfe durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) DNA von Genen hergestellt werden kann, die für das *zwf1*-Gen kodieren.

Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Nukleotiden.

"Isoliert" bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

"Polynukleotid" bezieht sich im allgemeinen auf Polyrribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

Unter "Polypeptiden" versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

Die Polypeptide gemäß Erfindung schließen Polypeptide gemäß SEQ ID NO 2, insbesondere solche mit der biologischen Aktivität des Genproduktes des *zwf1*-Gens und auch solche ein, die zu wenigstens 70% identisch sind mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID NO 2, bevorzugt zu wenigstens 80% und besonders die zu wenigstens 90% bis 95% Identität mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID NO 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits die Aminosäure produzieren und in denen die für das *zwf1*-Gen kodierenden Nukleotidsequenzen verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöht, einen starken Promotor verwendet oder ein Gen verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können L-Lysin aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung *Corynebacterium* handeln. Bei der Gattung *Corynebacterium* ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum*, sind zum Beispiel die bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032

Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806

Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870

Corynebacterium melassecola ATCC17965

Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539

Brevibacterium flavum ATCC14067

Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und

Brevibacterium divaricatum ATCC14020

und daraus hergestellte L-Lysin produzierende Mutanten bzw. Stämme, wie beispielsweise

Corynebacterium glutamicum FERM-P 1709

Brevibacterium flavum FERM-P 1708

Brevibacterium lactofermentum FERM-P 1712

Corynebacterium glutamicum FERM-P 6463

Corynebacterium glutamicum FERM-P 6464 und

Corynebacterium glutamicum DSM5715

Den Erfindern gelang es, das neue, für das *zwf1*-Genprodukt codierende *zwf1*-Gen von *C. glutamicum* zu isolieren.

Zur Isolierung des *zwf1*-Gens oder auch anderer Gene von *C. glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses Mikroorganismus in *E. coli* angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990) oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des *E. coli*-K-12-Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252: 255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84: 2160-2164) im *E. coli*-K-12-Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16: 1563-1575) angelegt wurde. Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326 (1992)) wiederum beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032 unter Verwendung des Cosmids pH79 (Hohn und Collins, Gene 11, 291-298 (1980)). Zur Herstellung einer Genbank von *C. glutamicum* in *E. coli* können auch Plasmide wie pBR322 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19: 259-268) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche *E. coli*-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der

Stamm DH5 α MCR, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe von Cosmiden klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend wiederum in gängige, für die Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert und anschließend sequenziert werden, so wie es z. B. bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74: 5463-5467, 1977) beschrieben ist.

Auf diese Weise wurde die neue für das zwal-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID NO 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz die Aminosäuresequenz des entsprechenden Genproduktes des zwal-Gens abgeleitet. In SEQ ID NO 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des zwal-Genproduktes dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus den SEQ ID NO 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Codes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit der SEQ ID NO 1 oder Teilen von SEQ ID NO 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z. B. ein Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als "Sinnmutationen" (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d. h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169: 751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77: 237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3: 240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6: 1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID NO 2 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID NO 1 oder Teilen von SEQ ID NO 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. Schließlich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID NO 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben typischerweise eine Länge von mindestens 15 Nukleotiden.

Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: a practical approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Die Erfinder fanden heraus, daß coryneforme Bakterien nach Überexpression des zwal-Gens in verbesserter Weise Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, produzieren.

Zur Erzielung einer Überexpression kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich, die Expression im Verlaufe der fermentativen Aminosäureproduktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), bei Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift EPS 0 472 869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), bei Remscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15-24 (1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift JP-A-10-229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60: 512-538 (1996)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Beispielhaft wurde das erfindungsgemäße Gen zwal mit Hilfe der Integrationsmethode wie sie z. B. bei Remscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)) beschrieben ist, dupliziert bzw. überexprimiert. Bei dieser Methode wird das vollständige Gen in einen Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise *E. coli*), nicht aber in *C. glutamicum* replizieren kann. Als Vektoren kommen beispielsweise pSUP301 (Simon et al., Bio/Technology 1, 784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)), pGEM-T (Promega corporation, Madison, WI, USA), pCR2.1-TOPO (Shuman (1994). Journal of Biological Chemistry 269: 32678-84; US-Patent 5,487,993), pCR®Blunt (Firma Invitrogen, Groningen, Niederlande; Bernard et al., Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)) oder pEM1 (Schrumpf et al. 1991, Journal of Bacteriology 173: 4510-4516) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zu amplifizierende Gen enthält, wird anschließend durch Konjugation oder Transformation in den gewünschten Stamm von *C. glutamicum* überführt. Die Methode der Konjugation ist beispielsweise bei Schäfer et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 756-759 (1994)) beschrieben. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivan (Bio/Technology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123, 343-347 (1994)) beschrieben. Nach homologer Rekombination mittels eines "cross over"-Ereignisses enthält der resultierende Stamm zwei Kopien des betreffenden Gens. Auf diese Weise wurde unter Zuhilfenahme des Integrationsplasmides pCR2.1zwalex der Stamm DSM5715:: pCR2.1zwalex hergestellt, der zwei Kopien des zwal-Gens trägt.

Zusätzlich kann es für die Produktion von Aminosäuren insbesondere L-Lysin vorteilhaft sein, neben dem zwal-Genprodukt eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges der Glykolyse, der Anaplerotik, des Zitronensäure-Zyklus oder des Aminosäure-Exports zu verstärken, insbesondere zu überexprimieren.

So kann es vorteilhaft sein, beispielsweise für die Herstellung von L-Lysin, eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen (EP-B 0 197 335),
- das für eine feed back resistente Aspartatkinase kodierende lysC-Gen
- das für die Tetrahydrodipicolinat-Succinylase kodierende dapD-Gen (Wehrmann et al., Journal of Bacteriology 180, 3159-3165 (1998)),
- das Gen für die Succinyldiaminopimelate-Desuccinylase kodierende dapE-Gen (Wehrmann et al., Journal of Bacteriology 177: 5991-5993 (1995)),
- das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat-Dehydrogenase kodierende gap-Gen (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die Pyruvat-Carboxylase codierende pyc-Gen (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die Malat:Chinon-Oxidoreduktase kodierende mqo-Gen (Molenaar et al., European Journal of Biochemistry 254, 395-403 (1998)),
- das für den Lysin-Export kodierende lysE-Gen (DE-A-195 48 222)

gleichzeitig zu überexprimieren.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin vorteilhaft sein, neben dem *zwa1*-Gen gleichzeitig

- das für die Phosphatpyruvat-Carboxykinase codierende Gen (DE 199 50 409.1; DSM 13047) und/oder
- das für die Glucose-6-Phosphat-Isomerase codierende *pgi*-Gen (US 09/396,478; DSM 12969)

abzuschwächen.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, neben der Überexpression des *zwa1*-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Microorganisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

Zusätzlich zur Verstärkung des *zwa1*-Gens kann es vorteilhaft sein, das *zwa2*-Gen oder die Wirkung des zugehörigen *zwa2*-Gen-Genprodukts abzuschwächen. Das entsprechende Gen und die zugehörigen Maßnahmen finden sich in der parallel eingereichten Patentanmeldung 199 59 327.2.

Ein für die Insertionsmutagenese geeigneter Integrationsvektor pCR2.1*zwa2int* wurde unter der Nr. DSM13113 in E.coli TOP10F hinterlegt.

Plasmid pCR2.1*zwa2int* besteht aus dem von Mead et al. (Bio/Technology 9: 657-663 (1991)) beschriebenen Plasmid pCR2.1-TOPO, in das ein internes Fragment des *zwa2*-Gens, dargestellt in SEQ-ID-No. 1, der deutschen Patentanmeldung 199 59 327.2, eingebaut wurde. Dieses Plasmid führt nach Transformation und homologer Rekombination in das chromosomale *zwa2*-Gen (Insertion) zu einem Totalverlust der Funktion. Auf diese Weise wurde beispielhaft der Stamm DSM5715::pCR2.1*zwa2int* hergestellt, dessen *zwa2*-Genprodukt ausgeschaltet ist.

Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch-Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch(-Zulaufverfahren) oder repeated fed batch-Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer-Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storch (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg-Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z. B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin und Ethanol und organische Säuren wie z. B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoffhaltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium-haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z. B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wachstumsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH-Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z. B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe wie z. B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoffhaltige Gas-mischungen wie z. B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C

und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum an Lysin gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die Analyse von L-Lysin kann durch Anionenaustauschchromatographie mit anschließender Ninhydrin-Derivatisierung erfolgen, so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben. Folgender Mikroorganismus wurde bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapest Vertrag hinterlegt:

Escherichia coli-Stamm Top10F/pCR2.1zwa1exp als DSM 13115. Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin.

Zusätzlich zur Verstärkung des zwa1-Gens kann es vorteilhaft sein, das zwa2-Gen abzuschwächen. Das entsprechende Gen bzw. der zur Insertionsmutagenese geeignete Vektor pCR2.1zwa2int ist in E.coli TOP10F unter der Nummer DSM13113 hinterlegt.

Beispiele

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Beispiel 1

Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus Corynebacterium glutamicum ATCC 13032

Chromosomale DNA aus Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 wurde wie bei Tauch et al. (1995, Plasmid 33: 168-179) beschrieben, isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250) dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCos1 (Wahl et al. (1987) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 84: 2160-2164), bezogen von der Firma Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCos1 Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02) gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase dephosphoryliert. Anschließend wurde die Cosmid-DNA mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Code no. 27-0868-04) gespalten. Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no. 27-0870-04) behandelt. Das Ligationsgemisch wurde anschließend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts (Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt. Zur Infektion des E.-coli Stammes NM554 (Raleigh et al. 1988, Nucleic Acid Research 16: 1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO₄ aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titrierung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei die Zellen auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1: 190) mit 100 µg/ml Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektiert.

Beispiel 2

Isolierung und Sequenzierung des zwa1-Gens

Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Nach gelelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Größenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany). Die DNA des Sequenzivektors pZero-1 bezogen von der Firma Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01) wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04) gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente in den Sequenzivektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das DNA-Gemisch mit T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über Nacht inkubiert wurde. Dieses Ligationsgemisch wurde anschließend in den E.-coli-Stamm DHSaMCR (Grant, 1990, Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A., 87: 4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS Microbiol Letters, 123: 343-7) und auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1: 190) mit 50 µg/ml Zeocin ausplattiert. Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden, Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977, Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A., 74: 5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al. (1990, Nucleic Acids Research, 18: 1067). Es wurde der "RR dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland) verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und Analyse der Sequenzierreaktion erfolgte in einem "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid"-Gel (29: 1) (Product No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism 377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems (Weiterstadt, Deutschland).

Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschließend unter Anwendung des Staden-Programmpakets (1986, Nucleic Acids Research, 14: 217-231) Version 97-0 prozessiert. Die Einzelsequenzen der pZero1-Derivate wurden zu einem zu-

sammenhängenden Contig assembliert. Die computergestützte Kodierbereichsanalyse wurden mit dem Programm XNIP (Staden, 1986, Nucleic Acids Research, 14: 217-231) angefertigt. Weitere Analysen wurden mit den "BLAST search programs" (Altschul et al., 1997, Nucleic Acids Research, 25: 3389-3402) gegen die non-redundant-Datenbank des "National Center for Biotechnology Information" (NCBI, Bethesda, MD, USA) durchgeführt.

Die erhaltene Nukleotidsequenz des *zwa1*-Gens ist in SEQ ID NO 1 dargelegt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein offenes Leseraster von 597 Basenpaaren, welches als *zwa1*-Gen bezeichnet wurde. Das *zwa1*-Gen kodiert für ein Polypeptid von 199 Aminosäuren, welches in SEQ ID NO 2 dargelegt ist.

Beispiel 3

Herstellung eines Vektors zur Überexpression von *zwa1*

Aus dem Stamm ATCC 13032 wurde nach der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817-1828 (1994)) chromosomale DNA isoliert. Aufgrund der aus Beispiel 2 für *C. glutamicum* bekannten Sequenz des *zwa1*-Gens wurden die folgenden Oligonukleotide für die Polymerase-Kettenreaktion ausgewählt:

zwa1-d1:
5' TCA CA CCG ATG ATT CAG GC 3'
zwa1-d2:
5' AGA TTT AGC CGA CGA AAG CG 3'

Die dargestellten Primer wurden von der Firma MWG Biotech (Ebersberg, Deutschland) synthetisiert und nach der Standard-PCR-Methode von Innis et al. (PCR protocols. A guide to methods and applications, 1990, Academic Press) mit Pwo-Polymerase der Firma Boehringer die PCR-Reaktion durchgeführt. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion wurde ein ca. 1,0 kb großes DNA-Fragment isoliert, welches das *zwa1*-Gen trägt.

Das amplifizierte DNA-Fragment wurde mit dem TOPO TA Cloning Kit der Firma Invitrogen Corporation (Carlsbad, CA, USA; Katalog Nummer K4500-01) in den Vektor pCR2.1-TOPO (Mead et al. (1991) Bio/Technology 9: 657-663) ligiert. Anschließend wurde der *E. coli*-Stamm Top10F mit dem Ligationsansatz (Hanahan, In: DNA cloning. A practical approach. Vol. I. IRL-Press, Oxford, Washington DC, USA) elektroporiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden Zellen erfolgte durch Ausplattieren des Transformationsansatzes auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.), der mit 25 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Plasmid-DNA wurde aus einer Transformante mit Hilfe des QIAprep Spin Miniprep Kit der Firma Qiagen isoliert und durch Restriktion mit dem Restriktionsenzym EcoRI und anschließender Agarosegel-Elektrophorese (0,8%) überprüft. Das Plasmid wurde pCR2.1*zwa1exp* genannt.

Beispiel 4

Verdoppelung des *zwa1*-Gens in dem Lysinproduzenten DSM 5715

Der in Beispiel 6 genannte Vektor pCR2.1*zwa1exp* wurde nach der Elektroporationsmethode von Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters, 123: 343-347 (1994)) in *Corynebacterium glutamicum* DSM 5715 elektroporiert. Bei dem Stamm DSM 5715 handelt es sich um einen AEC (Aminoethylcystein) resistenten Lysin-Produzenten. Der Vektor pCR2.1*zwa1exp* kann in DSM 5715 nicht selbständig replizieren und bleibt nur dann in der Zelle erhalten, wenn er ins Chromosom von DSM 5715 integriert hat. Die Selektion von Klonen mit ins Chromosom integriertem pCR2.1*zwa1exp* erfolgte durch Ausplattieren des Elektroporationsansatzes auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989), der mit 15 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Für den Nachweis der Integration wurden nach der Standardmethode von Innis et al. (PCR protocols. A guide to methods and applications, 1990, Academic Press) mit Pwo-Polymerase der Firma Boehringer Kontroll-PCR-Reaktionen durchgeführt. Durch Kombination der Primer *zwa1*-d1 und *zwa1*-d2 (vgl. Beispiel 3) mit den Primern M13 universal forward (5'-gttttccagtcacgac-3') (Invitrogen Corporation, Cat. No. N540-02) und M13 universal reverse (5'-caggaaacagctatgac-3') (Invitrogen Corporation, Cat. No. N530-02), die nur innerhalb der Sequenz des Vektors pCR2.1*zwa1exp* binden können, konnte gezeigt werden, daß das Plasmid pCR2.1*zwa1exp* in das Chromosom des Lysinproduzenten DSM5715 inseriert hatte. Der Stamm wurde als DSM5715::pCR2.1*zwa1exp* bezeichnet.

Beispiel 5

Herstellung von Lysin

Der in Beispiel 4 erhaltene *C. glutamicum*-Stamm DSM5715::pCR2.1*zwa1exp* wurde in einem zur Produktion von Lysin geeigneten Nährmedium kultiviert und der Lysingehalt im Kulturüberstand bestimmt.

Dazu wurde der Stamm zunächst auf Agarplatte mit dem entsprechenden Antibiotikum (Hirn-Herz-Agar mit Kanamycin (25 mg/l) für 24 Stunden bei 33°C inkubiert. Ausgehend von dieser Agarplattenkultur wurde eine Vorkultur angeimpft (10 ml Medium im 100 ml Erlenmeyerkolben). Als Medium für die Vorkultur wurde das Vollmedium CgIII verwendet. Diesem wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Vorkultur wurde 48 Stunden bei 33°C bei 240 rpm auf dem Schüttler inkubiert. Von dieser Vorkultur wurde eine Hauptkultur angeimpft, so daß die Anfangs-OD (660 nm) der

Hauptkultur 0,1 betrug. Für die Hauptkultur wurde das Medium MM verwendet.

Medium MM

	CSL (Corn Steep Liquor)	5 g/l
5	MOPS	20 g/l
	Glucose (getrennt autoklaviert)	50 g/l
	Salze	
	(NH ₄) ₂ SO ₄	25 g/l
	KH ₂ PO ₄	0,1 g/l
10	MgSC ₄ · 7 H ₂ O	1,0 g/l
	CaCl ₂ · 2 H ₂ O	10 mg/l
	FeSO ₉ · 7 H ₂ O	10 mg/l
	MnSO ₄ · H ₂ O	5,0 mg/l
	Biotin (sterilfiltriert)	0,3 mg/l
15	Thiamin · HCl (sterilfiltriert)	0,2 mg/l
	Leucin (sterilfiltriert)	0,1 g/l
	CaCO ₃	25 g/l

20 CSL, MOPS und die Salzlösung wurden mit Ammoniakwasser auf pH 7 eingestellt und autoklaviert. Anschließend wurden die sterilen Substrat- und Vitaminlösungen zugesetzt sowie das trocken autoklavierte CaCO₃.

Die Kultivierung erfolgt in 10 ml Volumen in einem 100 ml-Erlenmeyerkolben mit Schikanen. Es wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Kultivierung erfolgte bei 33°C und 80% Luftfeuchte.

25 Nach 48 Stunden wurde die OD bei einer Meßwellenlänge von 660 nm mit dem Biomek 1000 (Beckmann Instruments GmbH, München) ermittelt. Die gebildete Lysinmenge wurde mit einem Aminosäureanalysator der Firma Eppendorf-BioTronik (Hamburg, Deutschland) durch Ionenaustauschchromatographie und Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrindetektion bestimmt.

In Tabelle 1 ist das Ergebnis des Versuchs dargestellt.

30 Tabelle 1

Stamm	OD (660)	Lysin-HCl g/l
35 DSM5715::pCR2.1zwalexp	12,1	11,93
40 DSM5715	13,1	9,54

DE 199 59 328 A 1

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Degussa-Hüls AG

5 <120> Neue für das zwal-Gen kodierende Nucleotidsequenzen 5

<130> 990172 BT

10 <140> 10
<141>

<160> 2

15 <170> PatentIn Ver. 2.1 15

<210> 1
<211> 1260
<212> DNA

20 <213> Corynebacterium glutamicum 20

<220>
<221> -10_signal
<222> (383)..(388) 25

25 <220>
<221> -35_signal
<222> (360)..(365) 30

30 <220>
<221> CDS
<222> (413)..(1009)

<400> 1 35

35 ccgaaatatt ccaaatatgt aacataaatc acaccgatg attcaggcgg gatgacctgc 60

gacttcaagg tcgcaccaaa gtcagattga tatagatttc gtaaataacg tgacacaatc 120

gtgaccttcg ggttaccgtg tatcccaggc accgcaacag ttcatctgca agtccggctc 180 40

40 atcgccaaac cctgtctggg gtcggaagtt gaacaacctc cttggtgcaa cagaacttta 240

aaccacaaac tcccgcattc atgtgggcca tattgcagac agggacgggg aaaccaccca 300 45

45 ccattctttc aaaaaagaag gcatggaggc caactccttg gggtagaagc agacatccac 360

tggcagagca actcctccgc tctaaccoga cagctaacct cgacggcgac aa atg aga 418

Met Arg 50

1

50 gga aaa ctt ttc atg gga cgt cac tcc act aag act agc tcc gcg ttc 466

Gly Lys Leu Phe Met Gly Arg His Ser Thr Lys Thr Ser Ser Ala Phe 55

5 acc aag ctc gca gct tcc acc atc gct ttc ggt gct gct gca acc atc 514

Thr Lys Leu Ala Ala Ser Thr Ile Ala Phe Gly Ala Ala Ala Thr Ile 60

20 25 30

atg gct cct tct gca tct gct gca cct gat tcc gac tgg gat cgc ctc 562

60 Met Ala Pro Ser Ala Ser Ala Ala Pro Asp Ser Asp Trp Asp Arg Leu 65

35 40 45 50

DE 199 59 328 A 1

gca cag tgc gag tcc ggt ggt aac tgg gca atc aac acc ggt aac ggc 610
 Ala Gln Cys Glu Ser Gly Gly Asn Trp Ala Ile Asn Thr Gly Asn Gly
 55 60 65
 5 5
 tac cac ggt ggt ctg cag ttc tcc gct agc acc tgg gct gct tac ggc 658
 Tyr His Gly Gly Leu Gln Phe Ser Ala Ser Thr Trp Ala Ala Tyr Gly
 70 75 80
 10 10 ggc cag gag ttc gct acc tac gca tac cag gca acc cgt gag cag cag 706
 Gly Gln Glu Phe Ala Thr Tyr Ala Tyr Gln Ala Thr Arg Glu Gln Gln
 85 90 95
 15 15 atc gct gtt gca gag cgc acc ttg gct ggt cag ggc tgg ggc gca tgg 754
 Ile Ala Val Ala Glu Arg Thr Leu Ala Gly Gln Gly Trp Gly Ala Trp
 100 105 110
 20 20 cct gct tgc tcc gct tcc ctt gga ctg aac tcc gct cca acc cag cgt 802
 Pro Ala Cys Ser Ala Ser Leu Gly Leu Asn Ser Ala Pro Thr Gln Arg
 115 120 125 130
 25 25 gac ctc tcc gct acc acc tcc acc cca gag cca gct gca gct gca cca 850
 Asp Leu Ser Ala Thr Thr Ser Thr Pro Glu Pro Ala Ala Ala Pro
 135 140 145
 30 30 gct gtt gct gag tac aac gct cct gca gcc aac atc gca gtt ggc tcc 898
 Ala Val Ala Glu Tyr Asn Ala Pro Ala Ala Asn Ile Ala Val Gly Ser
 150 155 160
 35 35 acc gac ttg aac acc atc aag tcc acc tac ggc gct gtc acc ggc acc 946
 Thr Asp Leu Asn Thr Ile Lys Ser Thr Tyr Gly Ala Val Thr Gly Thr
 165 170 175
 40 40 ctc gct cag tac ggc atc acc gtt cca gct gag gtt gag tct tac tac 994
 Leu Ala Gln Tyr Gly Ile Thr Val Pro Ala Glu Val Glu Ser Tyr Tyr
 180 185 190
 45 45 aac gct ttc gtc ggc taaatctagc tgcacttttt aaaaggagg gaaccttaaa 1049
 Asn Ala Phe Val Gly
 195
 50 50 cggtttccct ccctttttgc atgccatttc acgacgcgcc agtcacctt ttgtgaattg 1109
 55 55 ggcaccaaga ttctctgatt ttggccacca ttttgcgaa accttggtgc cgaaagtacg 1169
 60 60 cccagtagaa aaaccgcatg aaaaaagagg caacaccgcc gaaacggggt gcctcttttt 1229
 65 65 taagtttctt agcgggtgat ccgggtgtac g 1260
 70 70
 <210> 2
 <211> 199
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 75 75
 <400> 2
 80 80 Met Arg Gly Lys Leu Phe Met Gly Arg His Ser Thr Lys Thr Ser Ser
 1 5 10 15
 85 85 Ala Phe Thr Lys Leu Ala Ala Ser Thr Ile Ala Phe Gly Ala Ala Ala
 20 25 30
 90 90

	Thr Ile Met Ala Pro Ser Ala Ser Ala Ala Pro Asp Ser Asp Trp Asp	
	35 40 45	
5	Arg Leu Ala Gln Cys Glu Ser Gly Gly Asn Trp Ala Ile Asn Thr Gly	5
	50 55 60	
	Asn Gly Tyr His Gly Gly Leu Gln Phe Ser Ala Ser Thr Trp Ala Ala	
	65 70 75 80	
10	Tyr Gly Gly Gln Glu Phe Ala Thr Tyr Ala Tyr Gln Ala Thr Arg Glu	10
	85 90 95	
	Gln Gln Ile Ala Val Ala Glu Arg Thr Leu Ala Gly Gln Gly Trp Gly	
15	100 105 110	15
	Ala Trp Pro Ala Cys Ser Ala Ser Leu Gly Leu Asn Ser Ala Pro Thr	
	115 120 125	
20	Gln Arg Asp Leu Ser Ala Thr Thr Ser Thr Pro Glu Pro Ala Ala Ala	20
	130 135 140	
	Ala Pro Ala Val Ala Glu Tyr Asn Ala Pro Ala Ala Asn Ile Ala Val	
	145 150 155 160	25
25	Gly Ser Thr Asp Leu Asn Thr Ile Lys Ser Thr Tyr Gly Ala Val Thr	
	165 170 175	
	Gly Thr Leu Ala Gln Tyr Gly Ile Thr Val Pro Ala Glu Val Glu Ser	
30	180 185 190	30
	Tyr Tyr Asn Ala Phe Val Gly	
	195	35

35

Folgende Abbildungen sind beigelegt:

Abb. 1

40

Karte des Plasmids pCR2.1zwalexp

Die Längenangaben sind als ca.-Werte zu verstehen.
 Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung.
 ColE1 ori: Replikationsursprung des Plasmids ColE1
 lacZ: 5'Ende des β -Galactosidase-Gens
 fl ori: Replikationsursprung des Phagen fl
 KmR: Kanamycin-Resistenz
 ApR: Ampicillin-Resistenz
 EcoRI: Schnittstelle des Restriktionsenzym EcoRI
 zwal zwale-Gen

45

50

Patentansprüche

55

1. Isoliertes Polynukleotid enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
 - a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID NO 2 enthält,
 - b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID NO 2
 - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
 - d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenzen von a), b) oder c).
2. Polynukleotide gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotide gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.
4. Polynukleotide gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID NO 1 bzw. dargestellt.
5. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2 enthaltend

60

65

- (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID NO 1 bzw., oder
(ii) mindestens eine Sequenz, die den Sequenzen (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder
(iii) mindestens eine Sequenz, die mit den zu den Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen hybridisiert, und gegebenenfalls
(iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).
6. Vektor, enthaltend das Polynukleotid gemäß Anspruch 1, insbesondere pCR2.1zwalex, gekennzeichnet durch die in der Abb. 1 wiedergegebene Restriktionskarte hinterlegt unter der Bezeichnung DSM 13115 in E.coli.
7. Als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, die den Vektor gemäß Anspruch 6 enthalten, oder in denen das zwal-Gen verstärkt wird.
8. Verfahren zur Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, dadurch gekennzeichnet, daß man folgende Schritte durchführt:
- a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure produzierenden Bakterien, in denen man zumindest das zwal-Gen verstärkt,
 - b) Anreicherung des gewünschten Produkts im Medium oder in den Zellen der Bakterien und
 - c) Isolieren der L-Aminosäure.
9. Verfahren gemäß Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß man Bakterien einsetzt, in denen man zusätzlich weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure verstärkt.
10. Verfahren gemäß Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß man Bakterien einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet sind, die die Bildung des L-Lysins verringern.
11. Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 8 bis 12, dadurch gekennzeichnet, daß man coryneforme Bakterien verwendet, die L-Lysin herstellen.
12. Verfahren gemäß Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß man für die Herstellung von L-Lysin Bakterien fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
- 12.1 das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen,
 - 12.2 das für eine feed back resistente Aspartatkinase kodierende lyse-Gen,
 - 12.3 das für die Tetradihydrodipicolinat-Succinylase kodierende dapD-Gen,
 - 12.4 das Gen für die Succinyldiaminopimelate-Desuccinylase kodierende dapE-Gen,
 - 12.5 das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat-Dehydrogenase kodierende gap-Gen,
 - 12.6 das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende pyc-Gen,
 - 12.7 das für die Malat:Chinon-Oxidoreduktase kodierende mqo-Gen,
 - 12.8 das für den Lysin-Export kodierende lysE-Gen,
- verstärkt insbesondere überexprimiert oder amplifiziert.
13. Verfahren gemäß Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß man für die Herstellung von L-Lysin Bakterien fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
- 13.1 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase codierende pck-Gen
 - 13.2 das für die Glucose-6-Phosphat-Isomerase kodierende pgi-Gen
- abschwächt.
14. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium glutamicum einsetzt.
15. Verwendung von Polynukleotidsequenzen gemäß Anspruch 1 oder Teile davon als Hybridisierungssonden zur Isolierung von cDNA, die für das zwal-Genprodukt codiert.
16. Verwendung von Polynukleotidsequenzen gemäß Anspruch 1 oder Teile davon als Hybridisierungssonden zur Isolierung von cDNA oder Genen, die eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des zwal-Gens aufweisen.

Hierzu 1 Seite(n) Zeichnungen

- Leerseite -

Abbildung 1: Plasmidkarte von pCR2.1zwa1exp

